

FIGURE 1

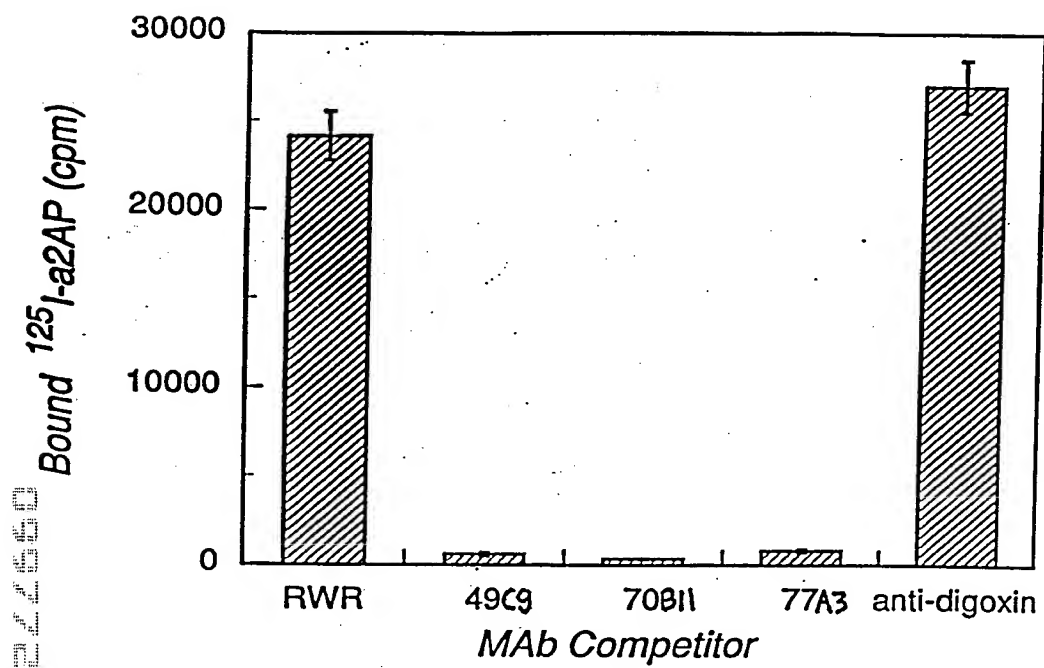


FIGURE 2

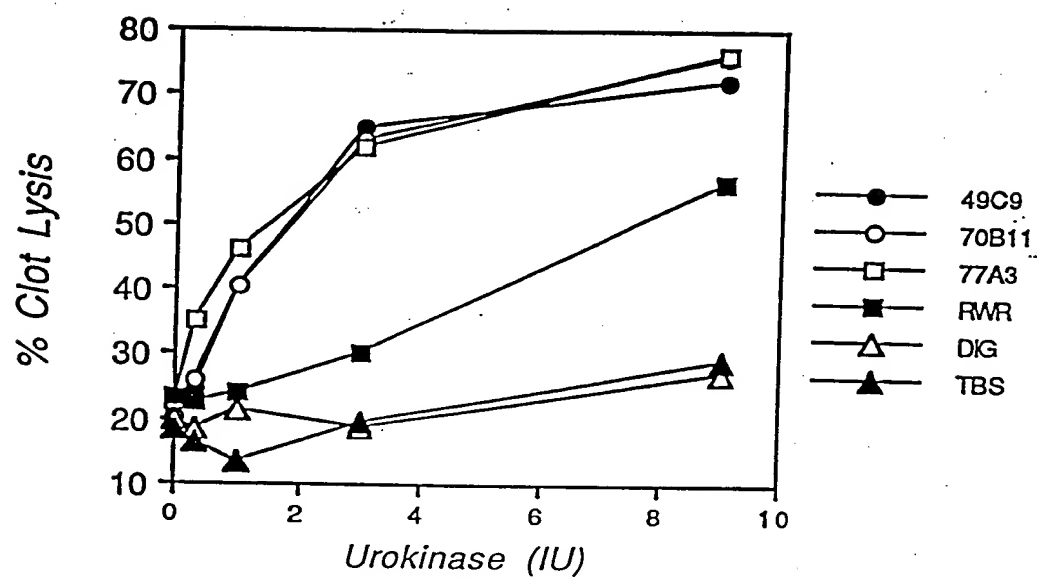


FIGURE 3

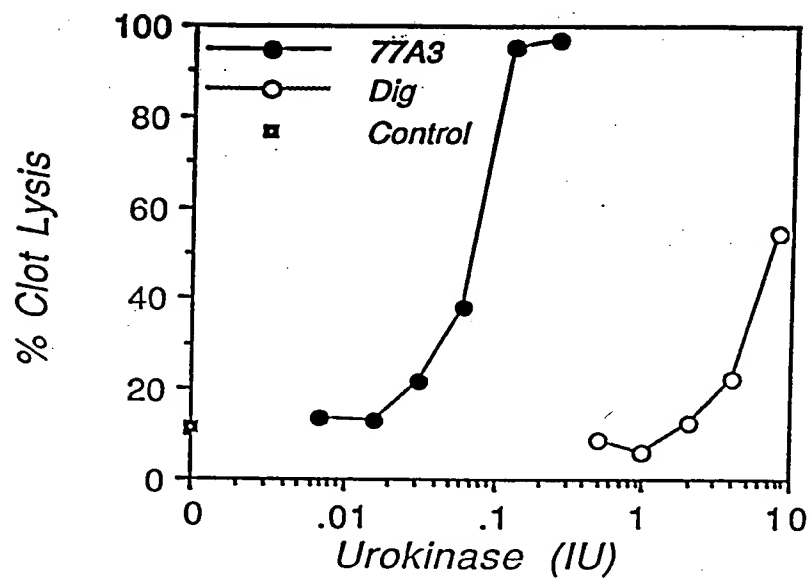
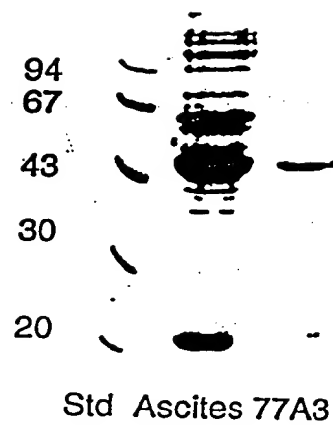


FIGURE 4



**FIGURE 5**

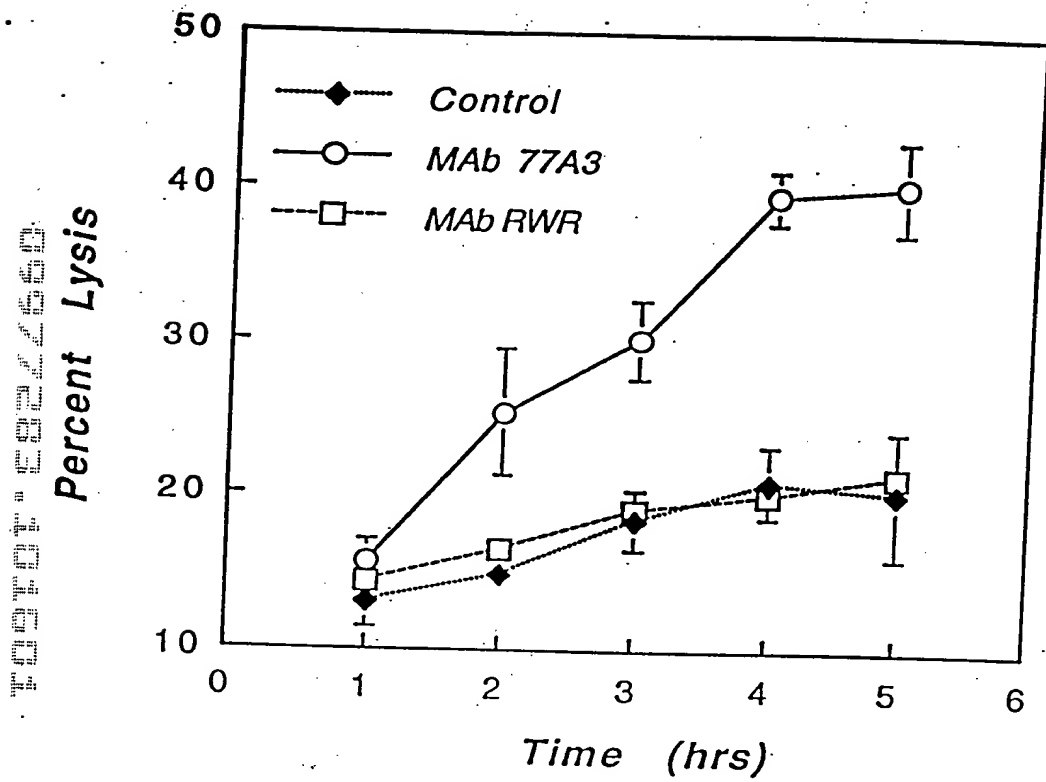


FIGURE 6

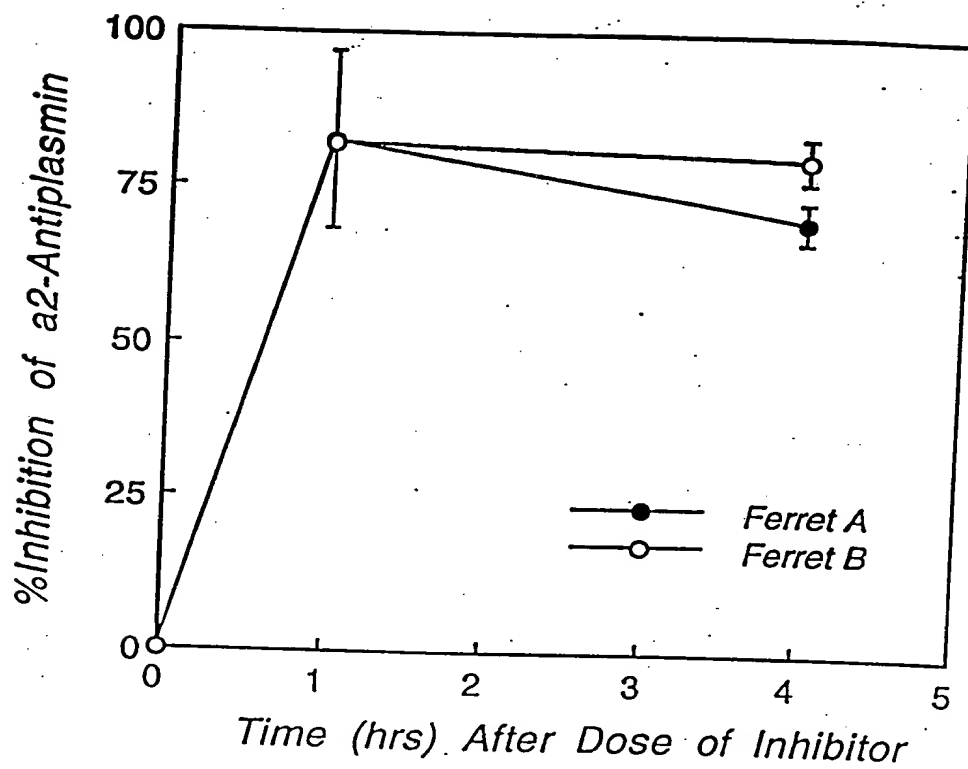


FIGURE 7

103701 69272660

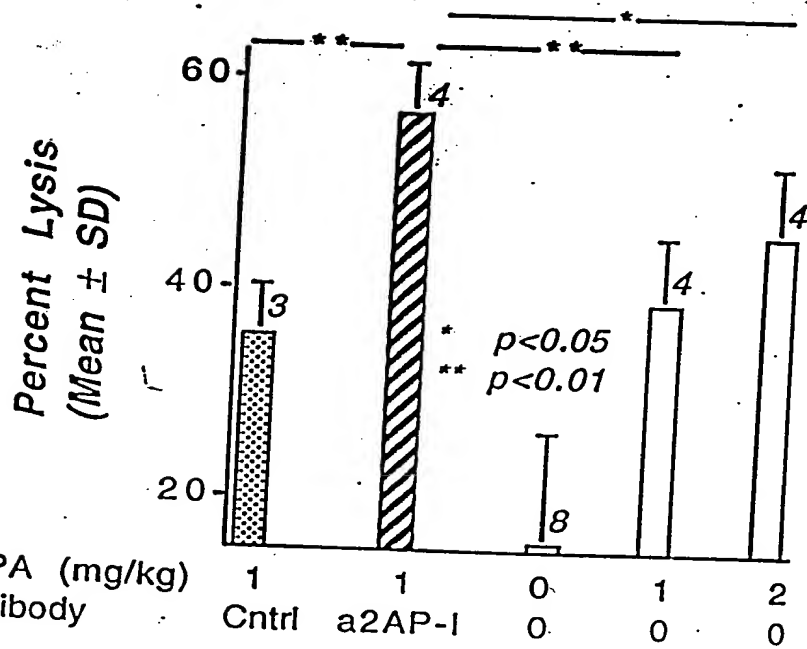
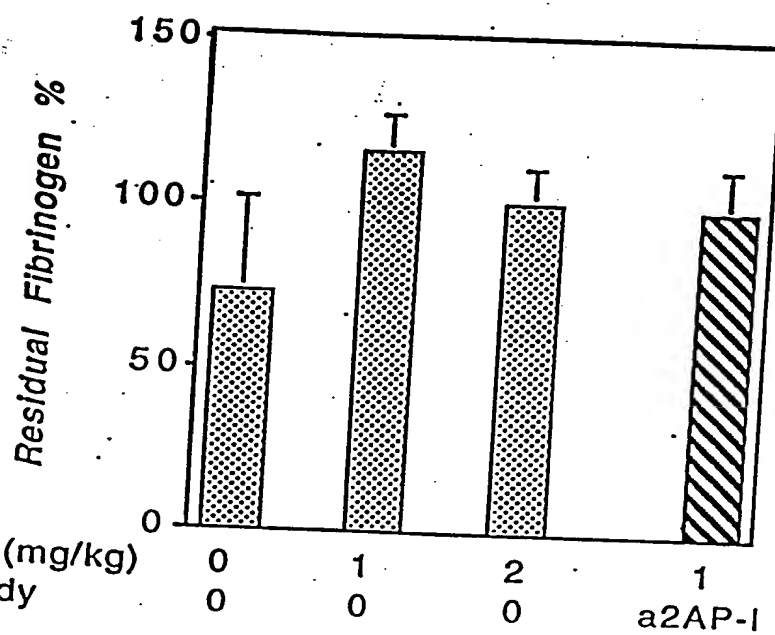


FIGURE 8



rt-PA (mg/kg)	Antibody
0	0
10	10
20	20
30	30
40	40
50	50
60	60
70	70
80	80
90	90
100	100



**FIGURE 9**

Fig. 10

MAb Light Chain	Amino Terminal Sequence
49C9	xIQMTQSPASLSASV
70B11	DIQMT
77A3	xIQMTQSPASLSASV

49707 20220600

Fig. 11

10	20	30	40	50	60
*	*	G *	*	*	*
ATGAGTGTGC TCACTCAGGT CCTGGCGTTG CTGCTGCTGT GGCTTACAGG TGCCAGATGT					
M	S	V	L	T	Q
V	L	G	L	L	L
			W	L	T
			G	A	R
					C>
		A			
70	80	90	100	110	120
*	*	*	*	*	*
GACATCCAGA TGACTCAGTC TCCAGCCTCC CTATCTGCAT CTGTGGGAGA AACTGTCACC					
D	I	Q	M	T	Q
S	P	A	S	L	S
			A	S	V
			G	E	T
					V
					T>
130	140	150	160	170	180
*	*	*	*	*	*
ATCACATGTC GAGCAAGTGG GAATATTCAC AATTATTTAG CATGGTATCA GCAGAAACAG					
I	T	C	R	A	S
G	N	I	H	N	Y
			L	A	W
			Y	Q	Q
					K
					Q>
190	200	210	220	230	240
*	*	*	*	*	*
GGAAAATCTC CTCAGCTCCT GGTCTATAAT GCAAAAACCT TAGCAGATGG TGTGCCATCA					
G	K	S	P	Q	L
L	V	Y	N	A	K
			T	L	A
			D	G	V
					P
					S>
250	260	270	280	290	300
*	*	*	*	*	*
AGGTTTCAGTG GCAGTGGATC AGGAACACAA TTTTCTCTCA GGATCAACAG CCTGCAGCCT					
R	F	S	G	S	G
S	G	T	Q	F	S
			L	R	I
			N	S	L
					Q
					P>
310	320	330	340	350	360
*	*	*	*	*	*
GAAGATTTTG GGAGTCATTA CTGTCAACAT TTTTGGACCA CTCCGTGGAC GTTCGGTGGA					
E	D	F	G	S	H
Y	C	Q	H	F	W
			T	T	P
			W	T	F
					G
					G>
370	380				
*	*				
GGCACCAAGC TGGAAATCAA A					
G	T	K	L	E	I
					K

0072260

Fig. 12

10	20	30	40	50	60
*	*	*	*	*	*
ATGAGTGTGC TCACTCAGGT CCTGGGGTTG CTGCTGCTGT GGCTTACAGG TGCCAGATGT					
M S V L T Q V L G L L L L W L T G A R C>					
70	80	90	100	110	120
*	*	*	*	*	*
GACATCCAGA TGA CT CAGTC TCCAGCCTCC CTATCTG CAT CTGTGGGAGA AACTGTCACC					
D I Q M T Q S P A S L S A S V G E T V T>					
130	140	150	160	170	180
*	*	*	*	*	*
GTCACATGTC GAGCAAGTGG GAATATTCAC AATTATTTAG CATGGTATCA GCAGAAACAG					
V T C R A S G N I H N Y L A W Y Q Q K Q>					
190	200	210	220	230	240
*	*	*	*	*	*
GGAAAATCTC CTCAGCTCCT GGTCTATAAT GCAAGAACCT TAGCAGATGG TGTGCCATCA					
G K S P Q L L V Y N A R T L A D G V P S>					
250	260	270	280	290	300
*	*	*	*	*	*
AGGTTTCAGTG GCAGTGGATC AGGAACACAA TATTCTCTCA AGATCAACAG CCTGCAGCCT					
R F S G S G S G T Q Y S L K I N S L Q P>					
310	320	330	340	350	360
*	*	*	*	*	*
GAAGATTTTG GGAGTTATTA CTGTCAACAT TTTTGGAGTA ATCCGTGGAC GTTCGGTGGA					
E D F G S Y Y C Q H F W S N P W T F G G>					
370	380				
*	*				
GGCACCAAGC TGGAAATCAA					
G T K L E I K					

19970706 15:44:50

Fig. 13

10	20	30	40	50	60
*	*	*	*	*	*
ATGAGTGTGC TCACTCAGGT CCTGGCGTTG CTGCTGCTGT GGCTTACAGG TGCCAGATGT					
M S V L T Q V L A L L L L W L T G A R C>					
70	80	90	100	110	120
*	*	*	*	*	*
GACATCCAGA TGACTCAGTC TCCAGCCTCC CTATCTGCAT CTGTGGGAGA AACTGTCACC					
D I Q M T Q S P A S L S A S V G E T V T>					
130	140	150	160	170	180
*	*	*	*	*	*
ATCACATGTC GAGCAAGTGG GAATATTCAC AATTATTTAG CATGGTATCA GCAGAAACAG					
I T C R A S G N I H N Y L A W Y Q Q K Q>					
190	200	210	220	230	240
*	*	*	*	*	*
GGAAAATCTC CTCAACTCCT GGTCTATAAT GCAAAAACCT TAGCAGATGG TGTGCCATCA					
G K S P Q L L V Y N A K T L A D G V P S>					
250	260	270	280	290	300
*	*	*	*	*	*
AGGTTTCAGTG GCAGTGGATC AGGAACACAA TTTTCTCTCA AGATCAACAG CCTGCAGCCT					
R F S G S G S G T Q F S L K I N S L Q P>					
310	320	330	340	350	360
*	*	*	*	*	*
GAAGATTTTG GGAGTCATTA CTGTCAACAT TTTTGGACCA CTCCGTGGAC GTTCGGTGGG					
E D F G S H Y C Q H F W T T P W T F G G>					
370	380				
*	*				
GGCACCAAGC TGGAAATCAA A					
G T K L E I K					

097203 0022560

[illegible]

9	19	29	39	49	59
*	*	*	*	*	*
ATGGMTTGG	GTGTGGAMCT	TGCTATTCT	GATGGCAGCT	CCCCAAAGTC	TCCAAGCACA
M A W	V W N	L L F L	M A A	A Q S	L Q A Q>
D	T				
69	79	89	99	109	119
*	*	*	*	*	*
GATCCAGTTG	GTGCAGTCTG	GACCTGAGCT	GAAGAAGCCT	GGAGAAACAG	TCAAGATCTC
I Q L	V Q S	G P E L	K K P	G E T	V K I S>
129	139	149	159	169	179
*	*	*	*	*	*
CTGCAAGGCC	TCTGGGTATA	CCTTCACAAA	CTATGGAATG	AACTGGGTGA	AGCAGGCTCC
C K A	S G Y	T F T N	Y G M	N W V	K Q A P>
189	199	209	219	229	239
*	*	*	*	*	*
AGGAAAGGGT	TTAAAGTGG	TGGGCTGGAT	AAACACCAAG	AGTGGAGAGC	CAACATATGC
G K G	L K W	M G W I	N T K	S G E	P T Y A>
249	259	269	279	289	299
*	*	*	*	*	*
TGAAGAGTTC	AAGGGACGGT	TTGTCTTCTC	TTTGGAAACC	TCTGCCAGCA	CTGCCCATTT
E E F	K G R	F V F S	L E T	S A S	T A H L>
309	319	329	339	349	359
*	*	*	*	*	*
GCAGATCAAG	AATTTTCAGAA	ATGAGGACAC	GGCTACATAT	TTCTGTGCAA	GATGGGTACC
Q I K	N F R	N E D T	A T Y	F C A	R W V P>
369	379	389	399	409	
*	*	*	*	*	
TGGGACCTAT	GCTATGGACT	ACTGGGGTCA	AGGAACCTCA	GTCACCGTCT	CCTCA
G T Y	A M D	Y W G Q	G T S	V T V	S S>

H3 HC (70B11 heavy chain) Fig. 15

10	20	30	40	50	60
*	*	*	*	*	*
ATGGMTTGGG	TGTGGAMCTT	GCTATTCCTG	ATGGCAGCTG	CCCAAAGTAT	CCAAGCACAG
M A W	V W N L	L F L	M A A	A Q S I	Q A Q>
D	T				
70	80	90	100	110	120
*	*	*	*	*	*
ATCCAGTTGG	TGCAGTCTGG	ACCTGAGCTG	AAGAAGCCTG	GAGAGACAGT	CAAGATCTCC
I Q L	V Q S G	P E L	K K P	G E T V	K I S>
130	140	150	160	170	180
*	*	*	*	*	*
TGCAAGGCTT	CTGGGTATAC	CTTCACAAAG	TATGGAATGA	ACTGGGTGAA	GCAGGCTCCA
C K A	S G Y T	F T K	Y G M	N W V K	Q A P>
190	200	210	220	230	240
*	*	*	*	*	*
GGAAAGGGTT	TAAAGTGGAT	GGGCTGGATA	AACACCAACA	GTGGAGAGCC	AACATATGCT
G K G	L K W M	G W I	N T N	S G E P	T Y A>
250	260	270	280	290	300
*	*	*	*	*	*
GAAGAGTTCA	AGGGACGGTT	TGCCTTCTCT	TTGGAAACCT	CTGCCAGCAC	TGCCTATTTG
E E F	K G R F	A F S	L E T	S A S T	A Y L>
310	320	330	340	350	360
*	*	*	*	*	*
CAGATCAACA	ACCTCAAAAA	TGAGGACTCG	GCTACATATT	TCTGTGCAAG	ATGGGTACCT
Q I N	N L K N	E D S	A T Y	F C A R	W V P>
370	380	390	400	410	
*	*	*	*	*	
GGGACCTATG	CTATGGACTA	CTGGGGTCAA	GGAACCTCAG	TCACCGTCTC	CTCA
G T Y	A M D Y	W G Q	G T S	V T V S	S>

0007007.0400

H4 HC (77A3 heavy chain) Fig. 16

10	20	30	40	50	60
*	*	*	*	*	*
ATGGMTTGGG	TGTGGAMCTT	GCTATTCCTG	ATGGCAGCTG	CCCAAAGTAT	CCAAGCACAG
M A W	V W N L	L F L	M A A	A Q S I	Q A Q>
D	T				
70	80	90	100	110	120
*	*	*	*	*	*
ATCCAGTTGG	TGCAGTCTGG	ACCTGAGCTG	AAGAAGCCTG	GAGAAACAGT	CAAGATCTCC
I Q L	V Q S G	P E L	K K P	G E T V	K I S>
130	140	150	160	170	180
*	*	*	*	*	*
TGCAAGGCTT	CTGGGTATAC	CTTCACAAAC	TATGGAATGA	ACTGGGTGAA	GCAGGCTCCA
C K A	S G Y T	F T N	Y G M	N W V K	Q A P>
190	200	210	220	230	240
*	*	*	*	*	*
GGAAAGGGTT	TAAAGTGGAT	GGGCTGGATA	AACACCAAGA	GTGGAGAGCC	AACATATGCT
G K G	L K W M	G W I	N T K	S G E P	T Y A>
250	260	270	280	290	300
*	*	*	*	*	*
GAAGAGTTCA	AGGGACGGTT	TGCCTTCTCT	TTGGAAACCT	CTGCCAGCAC	TGCCAATTG
E E F	K G R F	A F S	L E T	S A S T	A N L>
310	320	330	340	350	360
*	*	*	*	*	*
CAGATCAAGA	ACCTCAAAAA	TGAGGACACG	GCTACATATT	TCTGTGCAAG	ATGGGTACCT
Q I K	N L K N	E D T	A T Y	F C A R	W V P>
370	380	390	400	410	
*	*	*	*	*	
GGGACCTATG	CCATGGACTA	CTGGGGTCAA	GGAACCTCAG	TCACCGTCTC	CTCA
G T Y	A M D Y	W G Q	G T S	V T V S	S





[illegible]

Figure 18

### Signal Peptide

[illegible]

h77A3-1

Humanized (aa)  
Humanized nt (sense)  
Humanized nt (anti-sense)

## H1 Loop

[illegible]

h 77A3-1

Humanized (aa)  
Humanized nt (sense)  
Humanized nt (anti-sense)

## H2 Loop

[illegible]

h77A3-1

Humanized (aa)  
Humanized nt (sense)  
Humanized nt (anti-sense)

### H3 Loop

[illegible]

h77A3-1

Humanized (aa)  
Humanized nt (sense)  
Humanized nt (anti-sense)

## Signal Peptide

## h7A3-2

CGA TTG GAA TTC TTG CCG CCG CTT GGT AGC

## Hi Loop

477A3.2

$\begin{matrix} & 1 & 0 \\ Q & I & Q & L & V & Q & S & G & A & E & V & K & K & P & G & A & S & V & K & I & S & C & K & A & S \end{matrix}$

## H2 Loop

W7A3-2

[illegible]

### H3 Loop

b77A3.2

[illegible]

Figure 20

Plasmin Assay  
Murine, Chimeric and Humanized 77A3

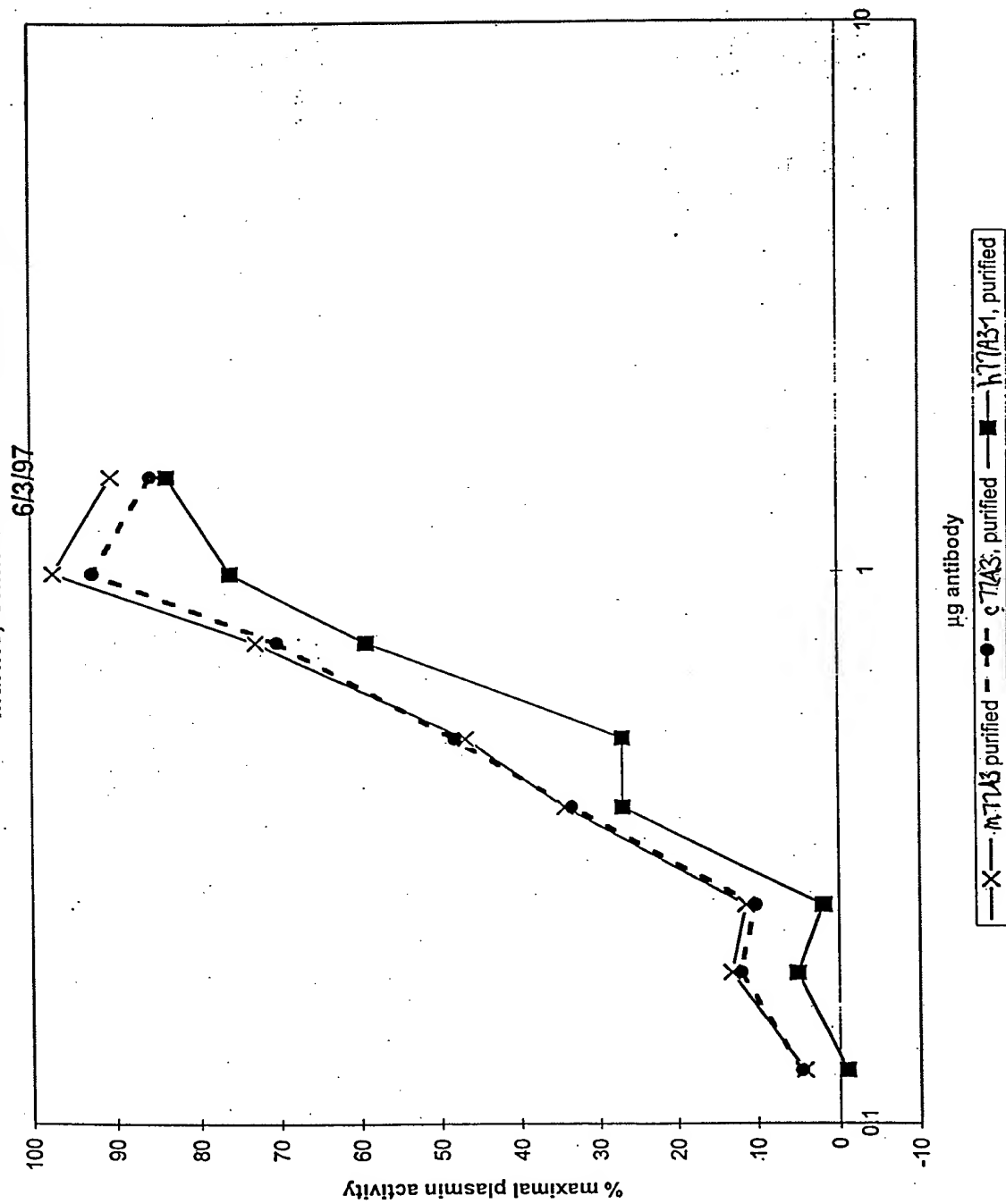


Figure 21

# α2-antiplasmin antibody light chain sequences

h77A3-1 and h77A3-2

m77A3  
m49C9  
m70B11

murine consensus  
77A3/49C9 consensus  
all

		L1 Loop																																		
	1	D	I	Q	M	T	Q	S	P	S	S	L	S	A	S	V	G	D	R	V	T	I	T	C	R	A	S	G	N	I	H	N		Y	L	A
	2	D	I	Q	M	T	Q	S	P	A	S	L	S	A	S	V	G	E	T	V	T	I	T	C	R	A	S	G	N	I	H	N		Y	L	A
	3	D	I	Q	M	T	Q	S	P	A	S	L	S	A	S	V	G	E	T	V	T	I	T	C	R	A	S	G	N	I	H	N		Y	L	A
	4	D	I	Q	M	T	Q	S	P	A	S	L	S	A	S	V	G	E	T	V	T	V	T	C	R	A	S	G	N	I	H	N		Y	L	A
	5	D	I	Q	M	T	Q	S	P	A	S	L	S	A	S	V	G	E	T	V	T	X	T	O	R	A	S	G	N	I	H	N		Y	L	A
	6	D	I	Q	M	T	Q	S	P	A	S	L	S	A	S	V	G	E	T	V	T	I	T	C	R	A	S	G	N	I	H	N		Y	L	A
	7	D	I	Q	M	T	Q	S	P	X	S	L	S	A	S	V	G	X	X	V	T	X	T	C	R	A	S	G	N	I	H	N		Y	L	A

h77A3-1 and h77A3-2

m77A3  
m49C9  
m70B11

murine consensus  
77A3/49C9 consensus  
all

		L2 Loop																																							
	1	W	Y	Q	Q	K	Q	G	K	S	P	Q	L	L	V	Y	N	A	K	T	L	A	S	G	V	P	S	R	F	S	G	S	G	S	G	T	D	F	T	L	T
	2	W	Y	Q	Q	K	Q	G	K	S	P	Q	L	L	V	Y	N	A	K	T	L	A	D	G	V	P	S	R	F	S	G	S	G	S	G	T	Q	F	S	L	K
	3	W	Y	Q	Q	K	Q	G	K	S	P	Q	L	L	V	Y	N	A	K	T	L	A	D	G	V	P	S	R	F	S	G	S	G	S	G	T	Q	F	S	L	R
	4	W	Y	Q	Q	K	Q	G	K	S	P	Q	L	L	V	Y	N	A	R	T	L	A	D	G	V	P	S	R	F	S	G	S	G	S	G	T	Q	Y	S	L	K
	5	W	Y	Q	Q	K	Q	G	K	S	P	Q	L	L	V	Y	N	A	X	T	L	A	D	G	V	P	S	R	F	S	G	S	G	S	G	T	Q	X	S	L	X
	6	W	Y	Q	Q	K	Q	G	K	S	P	Q	L	L	V	Y	N	A	K	T	L	A	D	G	V	P	S	R	F	S	G	S	G	S	G	T	Q	F	S	L	X
	7	W	Y	Q	Q	K	Q	G	K	S	P	Q	L	L	V	Y	N	A	X	T	L	A	X	G	V	P	S	R	F	S	G	S	G	S	G	T	X	X	X	L	X

h77A3-1 and h77A3-2

m77A3  
m49C9  
m70B11

murine consensus  
77A3/49C9 consensus  
all

		L3 Loop																																			
	1	I	S	S	L	Q	P	E	D	F	G	S	H	Y	C	Q	H	F	W	T	T	P				W	T	F	G	G	G	T	K	L	E	I	K
	2	I	N	S	L	Q	P	E	D	F	G	S	H	Y	C	Q	H	F	W	T	T	P				W	T	F	G	G	G	T	K	L	E	I	K
	3	I	N	S	L	Q	P	E	D	F	G	S	H	Y	C	Q	H	F	W	T	T	P				W	T	F	G	G	G	T	K	L	E	I	K
	4	I	N	S	L	Q	P	E	D	F	G	S	Y	Y	C	Q	H	F	W	S	N	P				W	T	F	G	G	G	T	K	L	E	I	K
	5	I	N	S	L	Q	P	E	D	F	G	S	X	Y	C	Q	H	F	W	X	X	P				W	T	F	G	G	G	T	K	L	E	I	K
	6	I	N	S	L	Q	P	E	D	F	G	S	H	Y	C	Q	H	F	W	T	T	P				W	T	F	G	G	G	T	K	L	E	I	K
	7	I	X	S	L	Q	P	E	D	F	G	S	X	Y	C	Q	H	F	W	X	X	P				W	T	F	G	G	G	T	K	L	E	I	K

## $\alpha$ 2-antiplasmin antibody heavy chain sequences

|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|

	H2 Loop																
	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
h77A3-1	G	L	E	W	M	G	W	I	N	T	K	S	G	E	P	T	A
h77A3-2	G	L	E	W	M	G	W	I	N	T	K	S	G	E	P	T	A
m77A3	G	L	K	W	M	G	W	I	N	T	K	S	G	E	P	T	A
m49C9	G	L	K	W	M	G	W	I	N	T	K	S	G	E	P	T	A
m70B11	G	L	K	W	M	G	W	I	N	T	N	S	G	E	P	T	A
humanized consensus	G	L	E	W	M	G	W	I	N	T	K	S	G	E	P	T	A
murine consensus	G	L	K	W	M	G	W	I	N	T	X	S	G	E	P	T	A
77A3/49C9 consensus	G	L	K	W	M	G	W	I	N	T	K	S	G	E	P	T	A
all	G	L	X	W	M	G	W	I	N	T	X	S	G	E	P	T	A

	H3 Loop																																	
	a	b	c	d	e	f	g	h	i	k	l	m	n	o	p	q	r	s	t															
h77A3-1	K	A	E	D	T	A	V	F	C	A	R	W	V	P	G	T		Y	A	M	D	Y	W	G	Q	G	T	T	V	T	V	S	S	
h77A3-2	R	S	D	D	T	A	V	F	C	A	R	W	V	P	G	T		Y	A	M	D	Y	W	G	Q	G	T	T	V	T	V	S	S	
m77A3	K	N	E	D	T	A	T	Y	F	C	A	R	W	V	P	G	T		Y	A	M	D	Y	W	G	Q	G	T	S	V	T	V	S	S
m49C9	R	N	E	D	T	A	T	Y	F	C	A	R	W	V	P	G	T		Y	A	M	D	Y	W	G	Q	G	T	S	V	T	V	S	S
m70B11	K	N	E	D	S	A	T	Y	F	C	A	R	W	V	P	G	T		Y	A	M	D	Y	W	G	Q	G	T	S	V	T	V	S	S
humanized consensus	X	X	X	D	T	A	V	F	C	A	R	W	V	P	G	T		Y	A	M	D	Y	W	G	Q	G	T	T	V	T	V	S	S	
murine consensus	X	N	E	D	X	A	T	Y	F	C	A	R	W	V	P	G	T		Y	A	M	D	Y	W	G	Q	G	T	S	V	T	V	S	S
77A3/49C9 consensus	X	N	E	D	T	A	T	Y	F	C	A	R	W	V	P	G	T		Y	A	M	D	Y	W	G	Q	G	T	S	V	T	V	S	S
all	X	X	X	D	X	A	X	Y	F	C	A	R	W	V	P	G	T		Y	A	M	D	Y	W	G	Q	G	T	X	V	T	V	S	S